

(19)日本国特許庁 (JP)

(12) 公開特許公報 (A)

(11)特許出願公開番号

特開平6-277073

(43)公開日 平成6年(1994)10月4日

(51)Int.Cl.<sup>5</sup> 識別記号 庁内整理番号 F I 技術表示箇所  
C 12 N 15/77 ZNA 7236-4B  
1/21  
15/31 // (C 12 N 15/77 9050-4B C 12 N 15/ 00 A  
審査請求 未請求 請求項の数8 OL (全10頁) 最終頁に続く

(21)出願番号 特願平5-71767  
(22)出願日 平成5年(1993)3月30日

(71)出願人 000006057  
三菱油化株式会社  
東京都千代田区丸の内二丁目5番2号  
(72)発明者 浅井 陽子  
茨城県稲敷郡阿見町中央8丁目3番1号  
三菱油化株式会社筑波総合研究所内  
(72)発明者 小林 幹  
茨城県稲敷郡阿見町中央8丁目3番1号  
三菱油化株式会社筑波総合研究所内  
(72)発明者 湯川 英明  
茨城県稲敷郡阿見町中央8丁目3番1号  
三菱油化株式会社筑波総合研究所内  
(74)代理人 弁理士 曾我 道照 (外6名)

(54)【発明の名称】 蛋白質のトランスロケーションマシンアリーをコードする遺伝子DNA

(57)【要約】

【構成】 ブレビバクテリウム・フラバムMJ-233  
からセックイー (secE) 遺伝子DNAを単離し、該  
遺伝子の塩基配列を決定すると共に、該遺伝子を含むD  
NAを有するコリネ型細菌内で安定なプラスミドpCR  
Y30-secEを構築した。

【効果】 該プラスミドを用いて形質転換されたコリネ型  
細菌を用いることで、従来よりも高効率に有用微生物產  
物を生産することが可能である。

【特許請求の範囲】

【請求項1】 コリネ型細菌に由来し蛋白質のトランスロケーションマシナリーをコードする、遺伝子DNA。

【請求項2】 前記コリネ型細菌がブレビバクテリウム・フラバム(*Brevibacterium flavum*) MJ-233である。

GTGGGAGAAG TCCGTAAGGT TATTGGCCT ACTGCCGCC AGATGGTCAC GTACACCCCTT 60  
GTGGTTTG GATTTTGAT TGTTTGACC GCTTTGGTGT CTGGTGTGGA TTTCTAGCT 120  
GGTCTTGGAG TTGAGAAGAT TCTGACTCCG TAG 153

【請求項5】 下記アミノ酸配列を含む蛋白質をコード

Val Gly Glu Val Arg Lys Val Ile Trp Pro Thr Ala Arg Gln Met Val Thr Tyr  
1 5 10 15  
Thr Leu Val Val Leu Gly Phe Leu Ile Val Leu Thr Ala Leu Val Ser Gly Val  
20 25 30 35  
Asp Phe Leu Ala Gly Leu Gly Val Glu Lys Ile Leu Thr Pro  
40 45 50

【請求項6】 請求項1～5のいずれかに記載の遺伝子DNAを導入した、組換えプラスミド。

【請求項7】 請求項1～5のいずれかに記載の遺伝子DNAおよびコリネ型細菌内で複製増殖機能を司る遺伝子を含むDNAを保有する、請求項6に記載の組換えプラスミド。

【請求項8】 請求項6または7に記載の組換えプラスミドを保有する、コリネ型細菌。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【産業上の利用分野】 本発明は、コリネ型細菌に由来し蛋白質のトランスロケーションに関する遺伝子DNA、特に蛋白質のトランスロケーションマシナリーをコードする遺伝子DNAに関する。さらに詳しくは、蛋白質のトランスロケーションマシナリーをコードする遺伝子群の中でも重要な遺伝子の一つであるセックイー(secE)遺伝子に関する。ここで、トランスロケーションマシナリーとは、膜蛋白質および分泌蛋白質各々が細胞膜に組み込まれる過程、あるいは菌体外に分泌される過程において必要不可欠な蛋白質群であり、本発明に言う「蛋白質のトランスロケーションマシナリーをコードする遺伝子DNA」は、蛋白質のトランスロケーションマシナリーを構成する蛋白質をコードする遺伝子DNAを意味する。以上の如く、secE遺伝子は蛋白質のトランスロケーションが行われる過程において重要な遺伝子の一つであり、さらには必要不可欠な遺伝子であると報告されている(薬学雑誌, 112, (6), 349, 1992)。従って、該遺伝子を高度に発現させることにより蛋白質のトランスロケーション効率が向上し、例えば有用な膜蛋白質および分泌蛋白質等の量的増加が図れるものと期待される。

【0002】

【従来の技術】 蛋白質のトランスロケーション機構については、主としてエシエリヒア・コリ(*Escherichia coli*)を材料として研究が進められており[Annual Revie

る、請求項1に記載の遺伝子DNA]。

【請求項3】 セックイー(secE)遺伝子を含む、請求項1に記載の遺伝子DNA。

【請求項4】 下記塩基配列で示される、請求項1～3のいずれかに記載の遺伝子DNA:

wGenetics, 24, 215-248, 1990; Annual Review of Biochemistry, 60, 101-124, 1991]、蛋白質のトランスロケーションに関する遺伝子として、secA [Journal of Bacteriology, 150, 686-691, 1982]、secB [Journal of Bacteriology, 154, 254-260, 1983]、secD [Journal of Bacteriology, 169, 1286-1290, 1987]、secE [Genetics, 118, 571-579, 1988]、secF [EMBO Journal, 9, 3209-3216, 1990]、secY [Nucleic Acids Research, 11, 2599-2616, 1983]等が報告されている。また、エシエリヒア・コリの各種変異株を用いた研究により、これら遺伝子群の中でもsecA、EおよびY遺伝子が蛋白質のトランスロケーションにおいて特に重要な役割を演じていることが示されている。現在のところ、secE遺伝子についてはエシエリヒア・コリ由来の遺伝子[Genetics, 118, 571-579, 1988 参照]、およびバチルス・サブチルス(*Bacillus subtilis*)由来の遺伝子[日本農芸化学会誌, 67(02), p137, 1993 参照]の単離は報告されているものの、産業上極めて重要な細菌であるコリネ型細菌由來のsecE遺伝子については報告されていない。

【0003】

【発明が解決しようとする課題】 トランスロケーションマシナリーの利用例の1つとして、例えばコリネ型細菌を用いた分泌型蛋白質の生産が挙げられる。しかしながら、コリネ型細菌由來のトランスロケーションマシナリーについての知見が少ないと、および他種に由来するトランスロケーションマシナリーはコリネ型細菌中で十分に機能しないことが示唆されていることから[Molecular Microbiology, 4, 305-314, 1990; FEBS Letters, 273, 75-78, 1990 参照]、実際に工業的生産において利用することは不可能であった。

【0004】

【課題を解決するための手段】 本発明者らは上記問題を解決すべく鋭意研究を重ねた結果、トランスロケーションマシナリーをコードする遺伝子DNA群に属するsec

c E 遺伝子DNAを単離することに成功し、本発明を完成するに至った。かくして本発明によれば、(1) コリネ型細菌に由来し蛋白質のトランスロケーションマシンナリーをコードする遺伝子DNA、(2) 該遺伝子DNAが導入された組換えプラスミド、及び(3) 該組換えプラスミドを保有するコリネ型細菌、が提供される。以下、本発明についてさらに詳細に説明する。

【0005】蛋白質のトランスロケーションマシンナリーを構成する蛋白質群をコードする遺伝子DNA群の一つである s e c E 遺伝子DNAを含むDNA断片（以下これを「A断片」と略称することがある）を、コリネ型細菌から調製する基本操作の一例を以下に述べる：s e c E 遺伝子DNAを含むDNA断片（A断片）は、上記コリネ型細菌、例えばブレビバクテリウム・フラバム (Brevibacterium flavum) MJ-233 (FERM BP-1497) 株の染色体上に存在するので、該菌株の染色体を適当な制限酵素で切断して生じる切断断片の中から分離取得することができる。

【0006】具体的には、先ずブレビバクテリウム・フラバム MJ-233 株の培養物から常法により染色体DNAを抽出する。次いで、得られた染色体DNAを適當

な制限酵素、例えばE c o R Iを用いて完全分解する。生じたDNA断片をクローニングベクター、例えば

U C 1 1 8

（宝酒造社製）に挿入し、該組換えベクターにより適当な宿主菌、例えばエシェリヒア・コリ J M 1 0 9（宝酒造社製）を形質転換する。この形質転換体を培養した後、プラスミドDNAを抽出する。エシェリヒア・コリおよびバチルス・サブチルスにそれぞれ由来する s e c E 遺伝子に共通な領域のDNA配列をプローブとしたザザンハイブリダイゼーションを用いて、得られたプラスミドDNAからブレビバクテリウム・フラバム MJ-233 染色体に由来する挿入A断片を確認し、取得することができる。このようにして得られるA断片の一つとして、上記ブレビバクテリウム・フラバム MJ-233 株の染色体DNAを制限酵素E c o R Iにより完全分解して得られる大きさ約0.6 kbのDNA断片が挙げられる。この大きさ約0.6 kbの s e c E 遺伝子DNAを含むDNA断片を各種制限酵素で切断したときの認識部位数及び切断断片の大きさを下記第1表に示す。

#### 【0007】

#### 【表1】

第1表

制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ (kb)
<u>N s p</u> (7524) V	1	0.15, 0.45
<u>N a e</u> I	1	0.25, 0.35
<u>P v u</u> II	1	0.55, 0.05

【0008】なお、本明細書においては、DNA断片又はプラスミドを制限酵素により完全分解して得られた断片をそれ自体既知の方法に従い1%アガロースゲル電気泳動および5%ポリアクリルアミドゲル電気泳動に供し、これにより分離された断片数を制限酵素による「認識部位数」とした。また、「切断断片の大きさ」およびプラスミドの大きさは、アガロースゲル電気泳動を用いる場合には、エシェリヒア・コリのラムダファージ (λ phage) のDNAを制限酵素H i n d IIIで切断して得られる分子量既知のDNA断片を試料に用いたと同一のアガロースゲルで泳動して得られる標準線に基づき、またはポリアクリルアミドゲル電気泳動を用いる場合には、エシェリヒア・コリのファイ・エックス174ファージ (φ X 174 phage) のDNAを制限酵素H a e IIIで切断して得られる分子量既知のDNA断片を試料に用いたと同一ポリアクリルアミドゲルで泳動して得られる標準線に基づき、それぞれ切断DNA断片又はプラスミドの各DNA断片の大きさを算出した。プラスミドの大きさは各切断断片の大きさを加算して求めた。なお、各DNA

断片の大きさを決定するさいに、大きさ1 kb以上の断片については1%アガロースゲル電気泳動による値を採用し、大きさ1 kb未満の断片については5%ポリアクリルアミドゲル電気泳動による値を採用した。

【0009】一方、上記ブレビバクテリウム・フラバム MJ-233 染色体DNAを制限酵素E c o R Iで切断して得られる大きさ約0.6 kbのDNA断片については、その塩基配列をプラスミド p U C 1 1 8 または p U C 1 1 9（宝酒造社製）を用いたジデオキシヌクレオチド酵素法 (dideoxy chain termination法; Sanger, F. ら, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 74, 5463, 1977 参照) により決定した。該方法を用いて決定した上記DNA断片の塩基配列中に存在するオープンリーディングフレームを基に s e c E 遺伝子DNAの塩基配列を決定したところ、該遺伝子DNAは後記配列表の配列番号1に示す配列を有し、50個のアミノ酸をコードする150塩基対から構成されていた。上記塩基配列を包含する本発明のA断片は、天然のコリネ型細菌染色体DNAから分離されたDNAのみならず、通常用いられるDNA合

成装置、例えばベックマン社製システム1-プラス (System-1 Plus) を用いて合成したDNAであってもよい。また、上記手順によりブレビバクテリウム・フラバムMJ-233の染色体DNAから取得され、かつ蛋白質のトランスロケーションに関する本発明の遺伝子DNAは、secE遺伝子産物の機能を実質的に損なうことがない限り、塩基配列の一部の塩基が他の塩基と置換されていてもよく、または削除されていてもよく、あるいは新たに塩基が挿入されていてもよく、さらには塩基配列の一部が転位されているものであってもよく、これらの誘導体のいずれもが本発明の遺伝子DNAに包含されるものである。

【0010】本発明のA断片は、例えばエシェリヒア・コリ内でプラスミドの複製増殖機能を司る遺伝子を少なくとも含むプラスミドベクターに導入し、該ベクターを用いてsecE遺伝子低温感受性変異菌株であるために20℃では生育不可能なエシェリヒア・コリPS163株 [EMBO Journal, 10 (No7), 1749-1757, 1991] を形質転換し、20℃培養における該菌株の生育を可能とする等の機能を有する。また本発明のA断片を、適当なプラスミド、例えばコリネ型細菌内でプラスミドの複製増殖機能を司る遺伝子を少なくとも含むプラスミドベクターに導入することにより、コリネ型細菌内でsecE遺伝子産物を高発現することが可能な組換えプラスミドを得ることができる。本発明で得られたsecE遺伝子を発現させるためのプロモーターとしては、例えばコリネ型細菌の保有するプロモーターを挙げることができるが、それに限られるものではなく、コリネ型細菌内で機能し、secE遺伝子の転写を開始させ得る塩基配列であればいかなるプロモーターであってもよい。

【0011】本発明のA断片を導入することが可能であり、コリネ型細菌内で複製増殖機能を司る遺伝子を少なくとも含むプラスミドベクターとしては、例えば特開平3-210184号公報に記載のプラスミドpCRY30；特開平2-276575号公報に記載のプラスミドpCRY21、pCRY2KE、pCRY2KX、pCRY31、pCRY3KEおよびpCRY3KX；特開平1-191686号公報に記載のプラスミドpCRY2およびpCRY3；特開昭58-67679号公報に記載のpAM330；特開昭58-77895号公報に記載のpHM1519；特開昭58-192900号公報に記載のpAJ655、pAJ611およびpAJ1844；特開昭57-134500号に記載のpCG1；特開昭58-35197号公報に記載のpCG2；特開昭57-183799号公報に記載のpCG4およびpCG11等を挙げることができる。コリネ型細菌の宿主ベクター系で用いられるプラスミドベクターとしては、コリネ型細菌内でプラスミドの複製増殖機能を司る遺伝子とコリネ型細菌内でプラスミドの安定化機能を司る遺伝子とを共に有するベクターが特に好ましく、例えばプラスミドpCRY30、pCRY21、pCRY2KE、pCRY2KE、

pCRY2KX、pCRY31、pCRY3KEおよびpCRY3KX等が好適に使用される。

【0012】上記プラスミドベクターpCRY30を調製する手順を以下に示す。まず、ブレビバクテリウム・スタチオニス (*Brevibacterium stationis*) IF012144 (FERMBP-2515) からプラスミドpBY503 (特開平1-95785号公報参照) DNAを抽出する。次に、抽出されたDNAの一部を制限酵素XbaIで切断してプラスミドの複製増殖機能を司る遺伝子を含む大きさ約4.0kbのDNA断片 (複製機能領域) を切り出し、また、抽出DNAの残余を制限酵素EcoRIおよびKpnIで切断してプラスミドの安定化機能を司る遺伝子を含む大きさ約2.1kbのDNA断片 (安定化機能領域) をも切り出す。そして、これらの断片をプラスミドpHSG298 (宝酒造社製) のEcoRI-KpnI部位及びSalI部位に常法により組み込むことで、プラスミドベクターpCRY30を調製することができる。

【0013】本発明のA断片を上記に例示したプラスミドベクターに導入するには、例えば該プラスミドベクター中に認識部位を1カ所だけ有する制限酵素を用いて該プラスミドベクターを開裂させ、次に必要に応じて前記A断片および開裂したプラスミドベクターをS1ヌクレアーゼで処理して平滑末端とするかまたは適当なアダプターDNAを添加した後、DNAリガーゼ処理により両者を連結させればよい。本発明のA断片をプラスミドpCRY30に導入するには、まずプラスミドpCRY30を制限酵素EcoRIにより処理して1カ所で開裂させ、そこに前記secE遺伝子DNAを含むDNA断片 (A断片) をDNAリガーゼで連結させればよい。このようにして造成されたプラスミドpCRY30に本発明の大きさ約0.6kbのA断片を導入した組換えプラスミドを、pCRY30-secEと命名した。プラスミドpCRY30-secEの作成方法の詳細については、後記実施例4で説明する。

【0014】本発明によるプラスミドで形質転換し得る宿主微生物としては、コリネ型細菌、例えばブレビバクテリウム・フラバムMJ-233 (FERM BP-1497) 、ブレビバクテリウム・フラバムMJ-233-AB-41 (FERM BP-1498) 、ブレビバクテリウム・フラバムMJ-233-ABD-21 (FERM BP-1499) 、およびブレビバクテリウム・フラバムMJ-233-ABT-11 (FERM BP-1500) 等が挙げられる。なお、上記のFERM BP-1498～1500株は全てFERM BP-1497を親株としており、FERM BP-1498株はDL-α-アミノ酪酸耐性を積極的に付与されたエタノール資化性株 (特公昭59-28398号公報第3～4欄参照) 、FERM BP-1499株はD-α-アミノ酪酸デミナーゼ高活性変異株 (特開昭61-177993号公報参照) 、およびFERM BP-1500株はL-α-アミノ酪酸トランスアミナーゼ高活性変異株 (特開昭62-5198号公報参照) である。上記微生物の他に、ブレビバ

クテリウム・アンモニアゲネス (Brevibacterium ammoniagenes) ATCC6871、同 ATCC13745、同 ATCC13746；ブレビバクテリウム・デバリカタム (Brevibacterium divaricatum) ATCC14020；ブレビバクテリウム・ラクトファーメンタム (Brevibacterium lactofermentum) ATCC13869；コリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) ATCC31831 等を宿主微生物として用いることができる。

【0015】なお、宿主としてブレビバクテリウム・フラバムMJ-233由来の菌株を用いる場合、該菌株が保有するプラスミドpBY502（特開昭63-36787号公報参照）のために形質転換が困難となる場合があるので、そのような場合には、該菌株よりプラスミドpBY502を除去することが望ましい。プラスミドpBY502を除去する方法としては、例えば継代培養を繰り返すことにより自然に欠失させることも可能であるし、人為的に除去することも可能である [Bact. Rev. 36 p.361～405 (1972) 参照]。上記プラスミドpBY502を人為的に除去する方法の一例を示せば次のとおりである。宿主ブレビバクテリウム・フラバムMJ-233の生育を不完全に阻害する濃度、例えば0.2～50 μg/ml のアクリジンオレンジもしくはエチジウムプロミド等を含有する培地に1ml当たり約10菌体の密度で該宿主菌を植菌し、その生育を不完全に阻害しながら約35℃で約24時間培養する。培養液を希釈して寒天培地に塗布し、約35℃で約2日培養する。得られたコロニーから各々独立にプラスミド抽出操作を行い、プラスミドpBY502が除去されている株を選択する。この一連の操作により、プラスミドpBY502が除去されたブレビバクテリウム・フラバムMJ-233由来菌株が得られる。

【0016】上記操作により得られるブレビバクテリウム・フラバムMJ-233由来菌株を前記プラスミドにより形質転換する方法としては、エシェリヒア・コリおよびエルビニア・カロトボラ (Erwinia carotovora)について知られているように [Calvin, N.M. および Hanawalt, P.C., Journal of Bacteriology, 170, 2796(1988); Ito, K., Nishida, T. および Izaki, K., Agricultural and Biological Chemistry, 52, 293(1988) 参照]、DNA受容菌にパルス波を通電する方法 [Satoh, Y. ら, Journal of Industrial Microbiology, 5, 159 (1990) 参照] 等を利用することができる。上記方法で形質転換して得られるsecE遺伝子産物産性能を有するコリネ型細菌、例えばブレビバクテリウム・フラバムMJ-233由来株の培養方法を以下に述べる。培養は炭素源、窒素源、無機塩等を含む通常の栄養培地を用いて行うことができ、その際の炭素源として、例えばグルコース、エタノール、メタノールおよび瓈糖蜜等を、そして窒素源として、例えばアンモニア、硫酸アンモニウム、塩化アンモニウム、硝酸アンモニウムおよび尿素等をそれぞ

れ単独で、もしくは混合して用いることができる。また、無機塩として、例えばリン酸一水素カリウム、リン酸二水素カリウム、硫酸マグネシウム等を用いることができる。この他にも、ペプトン、肉エキス、酵母エキス、コーンスティープリカー、カザミノ酸、ビオチン等の各種ビタミン等を栄養源として培地に添加してもよい。通常、培養は通気攪拌または振盪等の好気条件下に、約20～40℃、好ましくは約25℃～35℃の温度範囲で行う。培養中、培地のpHは5～10、好ましくは7～8付近に維持されることが望ましく、適當な酸又はアルカリを適宜培地に添加してpHを調整する。培養開始時における培地中の炭素源濃度は、好ましくは1～5重量%、更に好ましくは2～3重量%である。また、培養期間は通常1～7日間であるが、好ましくは2～5日間、最も好ましくは3日間である。かくして得られる培養物から遠心分離等により菌体を収集し、secE遺伝子産物を高率に含有する菌体を取得することができる。

#### 【0017】

【実施例】以上に本発明を説明してきたが、下記実施例によりさらに具体的に説明する。

##### <実施例1>

##### ブレビバクテリウム・フラバムMJ-233由来のsecE遺伝子DNAを含むDNA断片(A断片)のクローニング化

(A) ブレビバクテリウム・フラバムMJ-233の全DNAの抽出  
ブレビバクテリウム・フラバムMJ-233 (FERM BP-1497) を、半合成培地であるA培地【組成：尿素 2 g、 $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$  7 g、 $\text{K}_2\text{HPO}_4$  0.5 g、 $\text{KH}_2\text{PO}_4$  0.5 g、 $\text{Mg SO}_4$  0.5 g、 $\text{Fe SO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$  6 mg、 $\text{Mn SO}_4 \cdot 4 \sim 6\text{H}_2\text{O}$  6 mg、酵母エキス 2.5 g、カザミノ酸 5 g、ビオチン 200 μg、塩酸チアミン 200 μg、グルコース 20 g を蒸留水に溶解して11とする】11中で対数増殖期後期まで培養した後に菌体を回収した。得られた菌体を、リゾチームを10 mg/ml の濃度で含有する溶液【組成：10 mM NaCl、20 mM トリス緩衝液(pH 8.0)、1 mM EDTA・2Na】15 ml に懸濁した。該懸濁液にプロテナーゼKを100 μg/ml の最終濃度で添加し、これを37℃で1時間インキュベートした。次に、ドデシル硫酸ナトリウムを最終濃度が0.5%となるように添加し、50℃で6時間インキュベートして溶菌させた。得られた溶菌液に等量のフェノール/クロロホルム溶液を添加して室温で10分間穏やかに振盪した後、その全量を10～12℃で20分間、5,000×gの遠心分離に供し、その上清画分を分取した。該上清画分に酢酸ナトリウムをその濃度が0.3Mとなるように添加し、次いで2倍量のエタノールを穏やかに添加した。水層とエタノール層の間に存在するDNAをガラス

棒で掻め取り、これを70%エタノールで洗浄して風乾した。得られたDNAは、溶液〔組成：10mMトリス緩衝液（pH7.5）、1mM EDTA・2Na〕5mlを加えて4℃で一晩静置した後、実験に供した。

【0018】(B) 組換えプラスミドpUC118-s<sub>e</sub>c<sub>E</sub>の創製

上記(A)項で得たプレビバクテリウム・フラバムJM-233の全DNA溶液90μlを制限酵素EcoRI 50 unitsと37℃で1時間反応させて完全分解した。得られたDNA断片に、制限酵素EcoRIで切断した後に脱リン酸化処理したクローニングベクターpUC118(宝酒造社製)を混合した。この混合液に、それぞれの最終濃度が50mMトリス緩衝液(pH7.6)、10mMジチオスレイトール、1mM ATP、10mM MgCl<sub>2</sub>、およびT4DNAリガーゼ1unitとなるように各成分を添加し、4℃で15時間反応させてDNA断片とベクターを結合させた。得られたプラスミド混液を用いて、塩化カルシウム法(Journal of Molecular Biology, 53, 159, 1970参照)によりエシエリヒア・コリJM109株(宝酒造社製)を形質転換し、アンピシリンを50mg含有する培地[トリプトン10g、イーストエキストラクト5g、NaCl 5gおよび寒天16gを蒸留水に溶解して11とする]に塗抹した。

【0019】この培地上に生育した株を常法により液体培養し、その培養液よりプラスミドDNAを抽出した。抽出したプラスミドを制限酵素により切断し、得られた断片をアガロースゲル電気泳動に供した。泳動後、アガロースゲルよりDNAをナイロンメンブレンに移したり、エシエリヒア・コリおよびバチルス・サブチルスにそれぞれ由来するs<sub>e</sub>c<sub>E</sub>遺伝子に共通な領域をプローブとしてザンハイブリダイゼーションを行なった。用いたプローブは、エシエリヒア・コリおよびバチルス・サブチルスに由来するs<sub>e</sub>c<sub>E</sub>遺伝子から推定されるアミノ酸配列において特に相同意の高い領域に注目し、そ

のアミノ酸配列から想定された混合オリゴヌクレオチドプローブをアプライド・バイオシステムズ(Applied Biosystems)社製394 DNA/RNAシンセサイザーにより合成したプローブであった。実際に用いたプローブの塩基配列は、次のアミノ酸配列：

Glu Val Arg Lys Val Ile Trp Pro Thr

より想定される下記の塩基配列：

GAR GTI CGI AAR GTI ATY TGG CCI AC

(配列中、RはAまたはG、YはCまたはTを示し、ここでAはアデニン、Gはグアニン、Cはシトシン、Tはチミン、Iはデオキシイノシンを示す。)の26mer(塩基対)である。なお、プローブの合成にあたっては、デオキシイノシンを用いることで、混合の度合が著しく高くなることを回避した。

【0020】T4ポリヌクレオチドキナーゼ(宝酒造社製)を用いて、合成した上記オリゴヌクレオチドプローブの5'末端リン酸基を[γ-<sup>32</sup>P]ATPによりラジオアイソトープラベルした[Analytical Biochemistry, 158, 307-315, 1986]。ザンハイブリダイゼーションは、常法[Molecular Cloning, Cold Spring Harbor Laboratory Press(1989)]に従い実施した。この結果、ラジオアイソトープでラベルされたポジティブなバンドを生ずるクローンが選定されたが、該クローンはプラスミドpUC118の大きさ3.2kbのDNA断片に加えて、大きさ約0.6kbの挿入断片を有することが認められた。この大きさ約0.6kbの挿入DNA断片を各種の制限酵素で切断して認められた制限酵素認識部位数および切断断片の大きさは、前記表1に示したとおりであった。このDNA断片の制限酵素切断点地図を図1に示す。また上記選定されたプラスミドを各種制限酵素で切断し、生じる切断断片の大きさを測定した。その結果を下記第2表に示す。

【0021】

【表2】

第2表 プラスミドpUC118-s<sub>e</sub>c<sub>E</sub>

制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ(kb)
BamHI	1	3.8
EcoRI	2	3.2, 0.6
PvuII	3	0.2, 0.8, 2.8

【0022】上記制限酵素の切断断片により特徴付けられるプラスミドを、pUC118-s<sub>e</sub>c<sub>E</sub>と命名した。

<実施例2>

s<sub>e</sub>c<sub>E</sub>遺伝子を含むDNA断片(A断片)の塩基配列の決定

実施例1(B)項で得られたs<sub>e</sub>c<sub>E</sub>遺伝子DNAを含

む大きさ約0.6kbのDNA断片について、その塩基配列をプラスミドpUC118またはpUC119(宝酒造社製)を用いたジデオキシヌクレオチド酵素法(dideoxy chain termination法)(Sanger, F.ら, Proc. Nat. Acad. Sci. USA, 74, 5463, 1977)により、図2に示した戦略図に従って決定した。

【0023】<実施例3>

### pUC118-sceEプラスミドのエシェリヒア・コリsceE低温感受性変異株への導入

実施例1 (B) 項で得られたpUC118-sceEプラスミドを用いて、エシェリヒア・コリのsceE低温感受性変異株であるPS163 (sceEcs15)

[EMBO Journal, 10(No7), 1749-1757, 1991] を塩化カルシウム法 (Journal of Molecular Biology, 53, 159, 1970) により形質転換し、これをアンピシリンを50 mg含有する寒天培地 [組成：トリプトン 10 g、イーストエキストラクト 5 g、NaCl 5 g および寒天 16 g を蒸留水に溶解して11とする] に塗抹し、20℃で培養した。A断片を挿入しない無処理のベクターのみをPS163株に導入した場合には20℃で培養して寒天培地上に生育する菌体は認められなかったのに対し、該株にpUC118-sceEプラスミドを導入した場合には、DNA 1 μg当たり10<sup>4</sup>個以上の形質転換体が得られた。この結果、該プラスミド中にsceE遺伝子が挿入され、かつ該遺伝子DNAが供試菌体内で機能することが確認された。

#### 【0024】<実施例4>

### コリネ型細菌内で自律複製し安定なプラスミドベクターpCRY30の作成

#### (A) プラスミドpBY503の調製

プラスミドpBY503は、ブレビバクテリウム・スタチオニス IF012144 (FERM BP-2515) から分離された分子量約10メガダルトンのプラスミドであり、特開平1-95785号公報に記載の方法に従い調製した。ブレビバクテリウム・スタチオニス IF012144 を、半合成培地A培地 [組成：尿素 2 g、(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 7 g、K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 0.5 g、KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 0.5 g、Mg SO<sub>4</sub> 0.5 g、Fe SO<sub>4</sub> · 7H<sub>2</sub>O 6 mg、Mn SO<sub>4</sub> · 4~6H<sub>2</sub>O 6 mg、酵母エキス 2.5 g、カザミノ酸 5 g、ビチオン 200 μg、塩酸チアミン 200 μg、グルコース 20 g を蒸留水に溶解して11とする] 11中で対数増殖期後期まで培養した後、菌体を収集した。得られた菌体を、リゾチームを10mg/mlの濃度で含有する緩衝液 [組成：25 mM トリス (ヒドロキシメチル) アミノメタン、10 mM EDTA、50 mM グルコース] 20 mlに懸濁して、37℃で1時間反応させた。この反応液にアルカリ-SDS液 [組成：0.2 N NaOH、1% (W/V) SDS] 40 mlを添加し、緩やかに混和して室温にて15分間静置した。次に、この反応液に酢酸カリウム溶液 [5M 酢酸カリウム溶液 60 ml、酢酸11.5 ml、蒸留水28.5 mlの混合液] 30 mlを添加し、充分混和してから氷水中に15分間静置した。

【0025】得られた溶菌物全量を遠心管に移し、4℃で10分間、15,000×gの遠心分離に供し、上澄液を得た。これに等量のフェノールークロロホルム液 (フェノール：クロロホルム=1:1混和液) を加えて

懸濁した後、再び全量を遠心管に移し、室温下で5分間、15,000×gの遠心分離に供して、その水層を回収した。得られた水層に2倍量のエタノールを加え、-20℃で1時間静置した後、4℃で10分間、15,000×gの遠心分離にかけ、沈殿を回収した。得られた沈殿を減圧乾燥後、TE緩衝液 [組成：10 mM トリス、1 mM EDTA；塩酸にてpHを8.0に調整] 2 mlに溶解した。該溶解液に塩化セシウム溶液 [組成：5倍濃度のTE緩衝液100 mlに塩化セシウム170 gを溶解した] 15 mlおよび10 mg/ml濃度のエチジウムプロマイド溶液 1 mlを添加し、該液の密度を1.392 g/mlに調整した。この溶液を12℃で42時間、116,000×gの遠心分離に供した。

【0026】プラスミドpBY503は紫外線照射により遠心管内で下方に位置するバンドとして見い出される。このバンドを注射器で遠心管の側面から抜きとり、プラスミドpBY503を含む分画液を得た。次いでこの分画液を等量のイソアミルアルコールで4回処理してエチジウムプロマイドを抽出除去し、その後にTE緩衝液に対して透析を行った。このようにして得られたプラスミドpBY503を含む透析液に、最終濃度が30 mMとなるように3M酢酸ナトリウム溶液を添加した後、2倍量のエタノールを添加し、-20℃で1時間静置した。該液を15,000×gで遠心分離してDNAを沈降させ、これを回収してプラスミドpBY503 50 μgを得た。

#### 【0027】(B) プラスミドベクターpCRY30の作成

プラスミドpHSG298 (宝酒造社製) 0.5 μgと制限酵素Sail 5 units を37℃で1時間反応させて、プラスミドDNAを完全分解した。また、前記

(A) 項で調製したプラスミドpBY503 2 μgと制限酵素Xhol 1 unit を37℃で30分間反応させてプラスミドDNAを部分分解した。両者のプラスミドDNA分解物を混合し、その混合液を65℃で10分間加熱処理して液中の制限酵素を失活させた後、該失活溶液中の成分が最終濃度として各々50 mM トリス緩衝液 (pH 7.6)、10 mM MgCl<sub>2</sub>、10 mMジチオスレイトール、1 mM ATPおよびT4 DNAリガーゼ 1 unit となるように各成分を強化し、16℃で15時間インキュベートした。この溶液を用いてエシェリヒア・コリJM109コンピテントセル (宝酒造社製) を形質転換した。形質転換菌体を、各々最終濃度で30 μg/mlのカナマイシン、100 μg/mlのIPTG (イソプロピル-β-D-チオガラクトピラノシド)、100 μg/mlのX-gal (5-ブロモ-4-クロロ-3-インドリル-β-D-ガラクトピラノシド) を含むL培地 [組成：トリプトン 10 g、酵母エキス 5 g、NaCl 5 g を蒸留水に溶解して11とする、pH 7.2] を用いて37℃で24時間培養した。

上記培地上に生育した生育株のうち、白いコロニーを形成して生育してきた株を選択し、各々の株からプラスミドをアルカリ-SDS法 [T. Maniatis, E.F. Fritsch, J. Sambrook, Molecular cloning (1982), 90-91 参照]により抽出した。以上の手順により、プラスミドpHS G 298のS a I認識部位にプラスミドpBY503に由来する大きさ約4.0 kbの断片が挿入されたプラスミドpHSG298-oriが得られた。同様の方法を用いて、前記(A)項で得られたプラスミドpBY503を制限酵素K p n I及びE c o R Iで処理して得られる大きさ約2.1 kbのDNA断片を上記プラスミドpHSG298-oriのK p n I及びE c o R I認識部位にクローニングし、プラスミドベクターpCRY30を調製した。

#### 【0028】<実施例5>

##### プラスミドpCRY30-secEの調製およびコリネ型細菌への導入

実施例1(C)項で得られたプラスミドpUC118-secE 5 μgを制限酵素E c o R I 5 unitsと37℃で1時間反応させて得られたプラスミド分解物、ならびに実施例3(B)項で得られたプラスミドpCRY30 1 μgを制限酵素E c o R I 1 unitと37℃で1時間反応させて得られたプラスミド分解物を混合した。この混合液に、それぞれの最終濃度が50 mMトリス緩衝液(pH 7.6)、10 mMジチオスレイトール、1 mM ATP、10 mM MgCl<sub>2</sub>、T4 DNAリガーゼ 1 unitとなるように各成分を添加し、12℃で1.5時間反応させて双方のプラスミド分解物を結合させた。得られた結合プラスミドを用い、前記方法に従ってエシエリヒア・コリJM109株を形質転換し、これをカナマイシンを50 μg/ml含む培地〔組成：トリプトン10 g、イーストエキストラクト5 g、NaCl 5 gおよび寒天16 gを蒸留水に溶解して11とする〕に塗抹した。

【0029】この培地上に生育してきた株を常法により液体培養し、培養液よりプラスミドDNAを抽出した。抽出プラスミドを制限酵素により切断し、アガロースゲル電気泳動を用いて調べたところ、プラスミドpCRY30の大きさ8.6 kbのDNA断片に加え、大きさ0.6 kbの挿入DNA断片が認められた。上記の如く調製されたプラスミドDNAを用いて、コリネ型細菌を形質転換した。形質転換は、電気パルス法を用いて下記の如く行った。プレビバクテリウム・フラバムMJ-233(FERM BP-1497)のプラスミドpBY502除去株を前記A培地100 ml中で対数増殖期初期まで培養し、これにペニシリングを最終濃度で1 unit/mlとなるよう添加して、さらに2時間振盪培養した。培養物を遠心分離にかけて菌体を収集し、得られた菌体をパルス用溶液〔組成：272 mM シューカロース、7 mM KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>、1 mM MgCl<sub>2</sub>； pH 7.4〕20 mlにて洗浄した。洗浄後、再び遠心分離して菌体を収集し、この菌体を前記パルス用溶液5 mlに懸濁した。該懸濁液0.75 mlを前記手順により得たプラスミドDNA溶液50 μlと混合し、水中に20分間静置した後、ジンバルサー(バイオラド社製)のパルス条件を2500ボルト、25 μFDに設定し、該装置により前記混合液にパルスを印加した。パルス加印後、この混合液を氷中に20分間静置した。次いで、該液の全量を前記A培地3 mlに移し、30℃にて1時間培養した。さらに、培養菌体を最終濃度15 μg/mlのカナマイシンを含有する前記A寒天培地に植菌し、30℃で2~3日間培養した。前記実施例3(A)項に記載の方法を用いて、出現したカナマイシン耐性株よりプラスミドを得た。このプラスミドを各種制限酵素で切断し、その切断断片の大きさを測定した。その結果を下記の第3表に示す。

#### 【0030】

##### 【表3】

第3表 プラスミドpCRY30-secE

制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ(kb)
<u>Sph I</u>	3	5.5, 2.1, 1.7
<u>E c o R I</u>	2	8.7, 0.6
<u>P s t I</u>	2	7.6, 1.7
<u>B a m H I</u>	1	9.3
<u>K p n I</u>	1	9.3

【0031】上記制限酵素の切断断片により特徴付けられるプラスミドを、pCRY30-secEと命名した。なお、プラスミドpCRY30-secEにより形質転換されたプレビバクテリウム・フラバムMJ233-secEは、茨城県つくば市東1丁目1番3号の工業技術院生命工学工業技術研究所に、平成5年3月9日付

で受託番号：FERM P-13517として寄託されている。

#### 【0032】

##### 【配列表】

配列番号：1

配列の長さ：150

配列の型：核酸  
 トポロジー：直鎖状  
 配列の種類：Genomic DNA  
 起源  
 生物名：ブレビバクテリウム フラバム

株名：MJ233  
 配列の特徴  
 特徴を表す記号：peptide  
 存在位置：1-150  
 特徴を決定した方法：E

配列

```

GTG GGA GAA GTC CGT AAG GTT ATT TGG CCT ACT GCG CGC CAG ATG GTC ACG TACV
al Gly Glu Val Arg Lys Val Ile Trp Pro Thr Ala Arg Gln Met Val Thr Tyr
1           5           10          15
ACC CTT GTG GTT TTG GGA TTT TTG ATT GTT TTG ACC GCT TTG GTG TCT GGT GTGT
hr Leu Val Val Leu Gly Phe Leu Ile Val Leu Thr Ala Leu Val Ser Gly Val
20          25          30          35
GAT TTC CTA GCT GGT CTT GGA GTT GAG AAG ATT CTG ACT CCG TAG
Asp Phe Leu Ala Gly Leu Gly Val Glu Lys Ile Leu Thr Pro
40          45          50

```

【図面の簡単な説明】

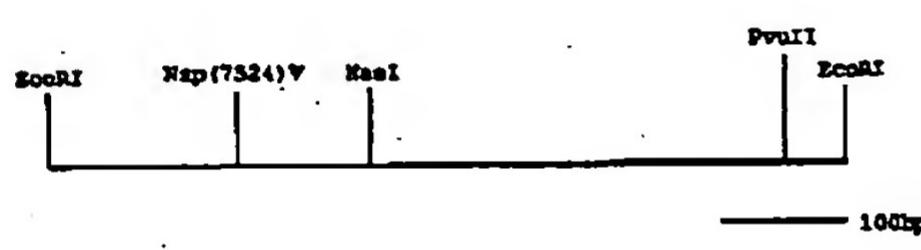
【図1】本発明で得られたsecE遺伝子DNAを含むDNA断片の制限酵素による切断点地図である。

【図2】本発明で得られたsecE遺伝子DNAを含

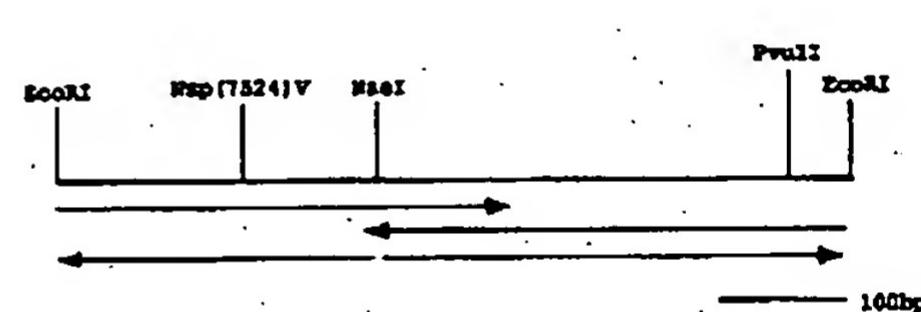
む、大きさ約0.6kbのDNA断片の塩基配列を決定する戦略図である。

【図3】本発明で得られたプラスミドpCRY30-secEの制限酵素による切断点地図である。

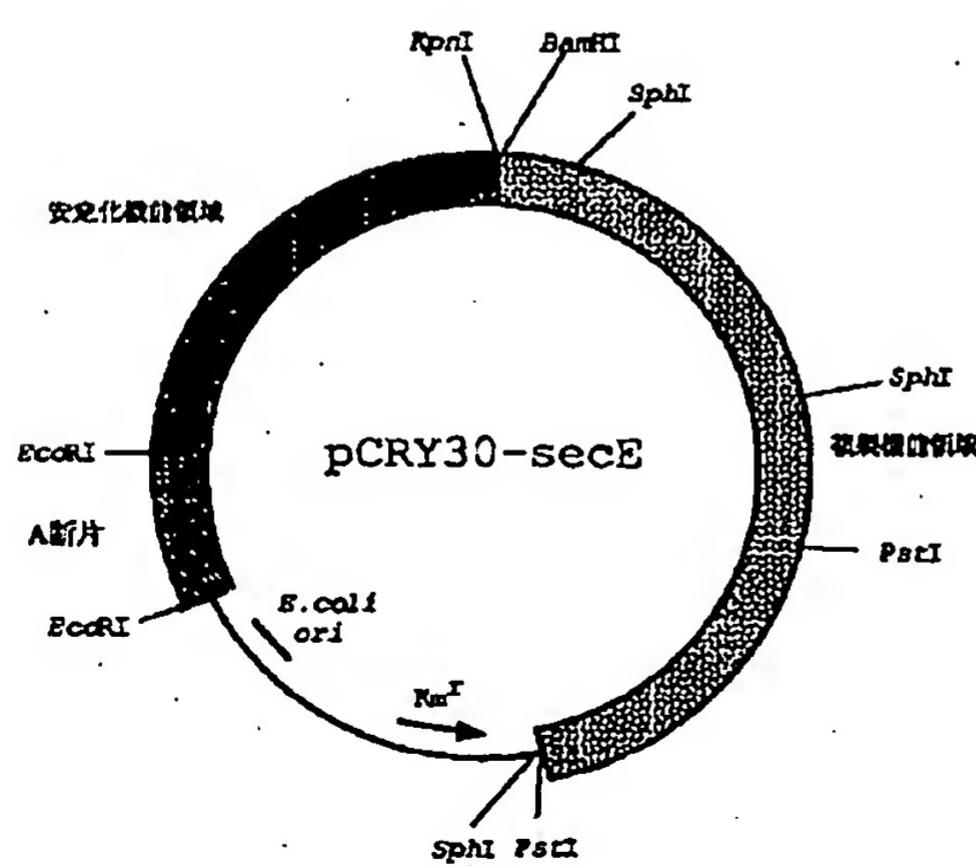
【図1】



【図2】



【図3】



フロントページの続き

(51) Int. Cl. 5

C 12 R 1:13)  
(C 12 N 1/21  
C 12 R 1:13)

識別記号 厅内整理番号

F I

技術表示箇所